

Essi Nikula

# **Genominen valinta mukaan sonnivalintaan**

Opinnäytetyö

Syksy 2009

Maa- ja metsätalouden yksikkö

Maaseutuelinkeinojen Koulutusohjelma

Kotieläintuotanto



## Opinnäytetyön tiivistelmä

Koulutusyksikkö: Maa- ja metsätalouden yksikkö, Ilmajoki

Koulutusohjelma: Maaseutuelinkeinojen koulutusohjelma

Suuntautumisvaihtoehto: Kotieläintuotanto

Tekijä: Essi Nikula

Työn nimi: Genominen valinta mukaan sonnivalintaan

Ohjaaja: Teija Rönkä

Vuosi: 2009

Sivumäärä: 44

Liitteiden lukumäärä: 0

---

Keinosiemennyssonnit ovat tärkeä osa suomalaista maidontuotantoa. Valtaosa Suomen lypsykarjatiloiista käyttää keinosiemennystä apuna päästäkseen asettamiinsa jalostuksellisiin tuloksiin. Keinosiemennyssonnit saavat jälkeläisarvostelunsa, joiden perusteella sonni arvostellaan, kun niiden tyttäret kaksivuotiaana ovat ensimmäisen kerran poikineet. Tämä prosessi vie sonnin osalta viisi vuotta, ennen kuin arvostelut ovat valmiit. Vasta tämän jälkeen on saatu selville ikäluokkansa parhaat sonnit, jotka saavat valiosonnin arvon. Valiosonneja käytetään sitten tiloilla parhaille lehmille, joilta halutaan vielä parempia jälkeläisiä.

Jotta sonnille saataisiin nopeammin arvostelut, voidaan apuna käyttää genomista valintaa. Genomisessa valinnassa tutkitaan sonnin DNA:sta sonnin perinnölliset arvot. Ns. SNP-merkkejä avuksi käyttäen voidaan eläimen DNA-rihmasta paikantaa yksittäisiä emäksiä (=genotyyppitys) ja niiden avulla löytää geenit, jotka vaikuttavat perinnöllisiin ominaisuuksiin. Jo jälkeläisarvosteltujen sonnien jälkeläisarvostelun ja genotyyppityksen tuloksia verrattaessa saadaan rakennettua genominen malliyhtälö. Genotyyppitettäessä arvostelemattomia sonneja, voidaan genotyyppityksen tulosta verrata malliyhtälöön, jolloin saadaan selville sonnin genominen arvo. Täten sonnin periyttämiskyky saadaan selville sen ollessa vielä pieni vasikka. Näin ollen aikaa ja rahaa säästyy, kun huonoimmat sonniyksilöt voidaan karsia jo alkuvaiheessa, eikä niitä tarvitse pitää viittä vuotta ennen kuin tyttäret on arvosteltu. Genominen valinta on vasta alkutaipaleella, joten ei ole varmuutta voidaanko koskaan kuitenkaan luopua täysin sonnien jälkeläisarvostelusta.

Avainsanat: genomi, genomivalinta, jälkeläisarvostelu, jalostussuunnittelu

**Thesis abstract**

Faculty: Ilmajoki School of Agriculture and Forestry  
Degree programme: Agriculture and Rural Enterprises  
Specialisation: Production of domestic animals

Author/s: Essi Nikula

Title of thesis: The Genomic Selection part of bull selection

Supervisor: Teija Rönkä

Year: 2009

Number of pages: 44

Number of appendices: 0

---

Bulls which are used in breeding programmes are a huge part of Finnish milk production. The majority of Finnish dairy farmers use artificial insemination when breeding their dairy cows. These bulls get their first breeding values when their daughter's calve for the first time. This means that the bulls are then already five years old. From the daughters we can measure the characteristics which have been inherited. Then we are able to evaluate the bulls and so use the best bulls in our breeding programme.

Genomic selection is a new way to get a bull's assessment quicker. In genomic selection we can find the majority of the genes affecting the bull's individual traits from DNA-markers. They are colloquially called SNP and they are possible to spread to all chromosomes and they can locate single nucleotides from the DNA. This helps us to identify the bull's genes. With genomic selection we can determine a bull's breeding value when the bull is born and we don't have to wait five years. In this way we can remove the worst bulls when they are just calves and so we save time and money in dairy cow breeding. Genomic selection is a new way to assess bull's breeding value. The traditional way of calculating the breeding values by assessing the bull's daughters will still be needed too.

Keywords: genome, genomic selection, breeding values, breeding planning

## **SISÄLTÖ:**

<b>Opinnäytetyön tiivistelmä .....</b>	<b>2</b>
<b>Thesis abstract.....</b>	<b>3</b>
<b>SISÄLTÖ: .....</b>	<b>4</b>
<b>Käytetyt termit ja lyhenteet .....</b>	<b>6</b>
<b>Kuvio- ja taulukkoluetelo .....</b>	<b>7</b>
<b>1 JOHDANTO.....</b>	<b>8</b>
<b>2 GENOMINEN VALINTA .....</b>	<b>10</b>
2.1 Genotyyppitys.....	10
2.2 Genominen jalostusarvostelu .....	12
2.2.1 Genominen malliyhtälö .....	12
2.2.2 Referenssiryhmä .....	12
2.2.3 Genominen jalostusarvoindeksi GEBV .....	13
2.2.4 Genomisen arvostelun tulokset .....	14
2.2.5 Perimä ja ympäristötekijät.....	15
<b>3 GENOMISEN VALINNAN EDISTYMINEN ULKOMAILLA .....</b>	<b>16</b>
<b>4 SUOMALAINEN LYPSEKARJANJALOSTUS .....</b>	<b>18</b>
4.1 Lypsyrotujen jalostusohjelma.....	18
4.1.1 Arvostelumenetelmä.....	18
4.1.2 Keinosiemennyssonniketju .....	19
4.2 FABA mukaan VikingGeneticsiin .....	20
<b>5 GENOMINEN VALINTA SUOMEN JALOSTUSOHJELMASSA.....</b>	<b>23</b>
5.1 Tavoitteet ja aikataulu .....	23
5.2 Toteutus ja kehittyminen.....	24
5.2.1 Ayrshire-rodun genomivalinnan kehitys.....	25
5.2.2 Genomiset jalostusarvot keinosiemennyssonnivasikoille .....	26
5.2.3 ASMO-ydinkarjan rooli.....	27
5.3 Missä ollaan nyt, lokakuu 2009.....	27
<b>6 YKSITTÄISEN SONNIN VALINTAPROSESSI .....</b>	<b>29</b>

<b>7</b>	<b>GENOMINEN VALINTA TULEVAISUUDESSA .....</b>	<b>30</b>
<b>8</b>	<b>GENOMIVALINTA VRT. PERINTEINEN JÄLKELÄISARVOSTELU.....</b>	<b>32</b>
8.1	Arvosteluvarmuus .....	32
8.2	Eroavaisuudet sonniliikenteessä.....	33
8.3	Kustannussäästöt .....	34
<b>9</b>	<b>POHDINTA .....</b>	<b>36</b>
9.1	Genomivalinnan hyödyt .....	36
9.2	Genomivalinnan ongelmat .....	38
9.3	Ayrshire-geenikannan muutos Suomessa .....	40
9.4	Jalostussuunnitelman teko muuttuu.....	41
9.5	Genomivalinta muilla tuotantohaaroilla .....	42
<b>10</b>	<b>YHTEENVETO .....</b>	<b>43</b>
	<b>LÄHTEET .....</b>	<b>44</b>

## Käytetyt termit ja lyhenteet

<b>Genomi</b>	Koko organismin perintöaines, joka on koodattu DNA:han. Sisältää geenien lisäksi ne DNA-ketjun osat, jotka eivät koodaa proteiinisynteesiä.
<b>Genomivalinta</b>	Genominen valinta. Eläinvalintaa, joka tehdään genomeista saadun perinnöllisyystiedon avulla.
<b>Referenssiryhmä</b>	Eläinjoukko, jonka jälkeläisarvostelujen ja genotyyppityksien vertailulla keskenään saadaan aikaan genominen malliyhtälö.
<b>SNP</b>	Single nucleotide polymorphism. Yksittäisiä emäksiä, joita hyödynnetään DNA:n skannauksessa.
<b>GEBV</b>	Genomic expected breeding value. Genominen jalostusarvoindeksi.
<b>BLUP</b>	Best linear unbiased prediction. BLUP-menetelmällä arvioidaan eläimen jalostusarvo sen sukulaisista saatavien tietojen perusteella.
<b>NTM</b>	Nordic total merit. Pohjoismainen kokonaisjalostusarvo. Naudoilla käytettävä jalostusarvo, jolla on yhteinen laskentamenetelmä ja arvoasteikko kaikissa pohjoismaissa.

## Kuvio- ja taulukkoluetelo

Kuvio 1. Geenien järjestäytyminen DNA:ssa.....	10
Kuvio 2. Genomisen jalostusarvoindeksin muodostuminen. ....	144
Kuvio 3. Jälkeläisarvosteluun perustuvan lypsyrotujen jalostusohjelman sonniliikenne. ....	20
Taulukko 1. Jälkeläisarvostelun, genomisen jalostusarvon ja odotusarvon arvosteluvarmuudet. ....	32
Kuvio 4. Entisen keinosiemennysohjelman ja genomisen jalostusohjelman eroavaisuudet sonniliikenteessä vuoden aikana.....	34
Kuvio 5. Genomisen valinnan SWOT-analyysi.....	43

# 1 JOHDANTO

Keinosiemennystä alettiin harjoittaa Suomessa 1930- ja 1940-luvuilla.

Ensimmäinen keinosiemennysyhdistys, Varsinais-Suomen keinosiitosyhdistys, perustettiin ayrshire-yhdistyksen toimesta vuonna 1946. Ensimmäiseksi keinosiemennyssonniksi ostettiin kantakirjasonni Herttua Jaarli. Keinosiemennystoiminta lisäsi huomattavasti sonnien jälkeläisarvostelun varmuutta ja mahdollisti parhaimpien, jälkeläisarvosteltujen, hyviä tuotant ominaisuuksia periyttävien sonnien laajan käytön. Hyvin nopeasti se näkyi myös tuotostömmärien jatkuvana nousuna, ja maatalouden tuotantotason kasvuna. (Mäkinen 2006, 32–33.)

Keinosiemennystoiminta laajeni nopeasti eri puolille maata, ensin Tampereelle sitten Lahteen ja Uudellemaalle ja vuonna 1948 jo Ouluunkin (Mäkinen 2006, 39–40). Yhdistymistä suuremmiksi keinosiemennysyhdistyksiksi tapahtui, kunnes vuonna 1968 koko Etelä-Suomi yhdistyi yhdeksi, syntyi Jalostuspalvelu (Mäkinen 2006, 108).

Kotieläinjalostusyhdistys perustettiin Helsingissä 1969 (Mäkinen 2006, 114). Se liittyi keinosiemennysyhdistystenliiton jäseneksi keinosiemennysosuuskuntien lisäksi vuonna 1992. Näin syntyi kotieläinjalostuksen ja keinosiemennyksen yhteinen keskusjärjestö Osuuskunta Kotieläinjalostuskeskus-FABA. Vuodesta 2005 ne ovat toimineet nimikkeillä Faba Jalostus ja Faba Palvelu, kunnes vuonna 2008 nekin yhdistyivät. (Faba Jalostustuksen ja, [Viitattu 28.9.2009].)

Vuoden 2010 alusta FABA liittyy mukaan pohjoismaiseen jalostusorganisaatioon VikingGeneticsiin. Se antaa uusia mahdollisuuksia monipuoliseen sonnitarjontaan ja ennen kaikkea genomiselle valinnalle, jolle ei olisi suomalaisella naudan jalostuksella ja sonnien sementuotannolla ollut yksin varaa eikä resursseja. (Lintukangas 2009b, 8; 2009c, 9.)



Suomalainen lypsykarjanjalostus on historiansa aikana kokenut monia muita mullistavia keksintöjä keinosiemennyksen lisäksi, kuten koelypsymallin, jalostusarvostelun, alkionsiirron ja sukupuolilajitellun sperman. Olisiko nyt genomisen valinnan tekemän mullistuksen vuoro? Mitä se edes on ja kuinka paljon se tuo hyötyä verrattuna perinteiseen jälkeläisarvosteluun?

FABA:n liittyminen VikingGeneticsiin antaa suomalaiselle karjanjalostukselle mahdollisuuden kehittyä genomivalinnan avulla. (Mäntysaari 2009.) Pelkona on hieman ollut, kuinka tämä laajentuminen vaikuttaa suomalaiseen ayrshire-rotuun, jota olemme jo vuosikaudet jalostaneet erittäin hyvin tuloksin. Pärjäävätkö ne arvosteluissa muita punaisia lypsykarjarotuja vastaan, entä maailmalla kovin suosittua holstein-rotua vastaan?

Se, miksi juuri nyt on aika tehdä tästä aiheesta opinnäytetyö, on juuri nämä monet kutkuttavat kysymykset, joita genomivalinta karjaihmisissä herättää. Genomivalinta on alkanut laajenemaan ympäri maailmaa, ja me saamme onnekkaina olla mukana tässä pohjoismaisessa yhteistyössä. Genomivalinta on Tanskassa ja Ruotsissa (VikingGenetics) täydessä vauhdissa. Suomessa se pyörähti käyntiin viime keväänä, jolloin verinäytteitä alettiin kerätä (Himanen 2009c). Tämän vuoden heinäkuussa valmistuivat ensimmäiset suomalaissonnien genomiset arvostelut. Niiden myötä on jo karsittu muutamia nuorsonneja siementuotannosta. Genomiseen valintaan ei kuitenkaan voi näin alkuvaiheessa turvautua niin, että perinteinen jälkeläisarvostelu jätettäisiin kokonaan pois. Herää myös epäilyksiä, voiko siitä koskaan kokonaan luopua? Sonnit saavat arvostelunsa myös perinteisellä tavalla tyttäriensä mukaan, jolloin genomisten arvostelujen paikkansapitävyyttä voidaan koko ajan seurata.

## 2 GENOMINEN VALINTA

Genominen valinta on eläinvalintaa, joka tehdään geeneistä löydetyn perimätiedon perusteella. Valinnassa hyödynnettävä genominen jalostusarvoindeksi rakentuu erilaisten vaiheiden kautta. (Himanen 2009c.)

### 2.1 Genotyyppitys

Voidaksemme tehdä valintaa eläinten genomisten jalostusarvojen mukaan, tulee selvittää eläimen genominen arvo. Se saadaan selville genotyyppityksellä. Genotyyppityksessä pystytään DNA-rihmasta etsimään ja tunnistamaan yhden emäsparin eroja yksilöiden välillä. Eroja kutsutaan nimellä SNP (single nucleotide polymorphism). (Himanen 2009b.) Tarvittava DNA-rihma otetaan yleensä verinäytteestä, mutta myös esimerkiksi sonnin sperma on todettu käyttökelpoiseksi (Himanen 2009c).

Naudan genomi eli perintöaines

DNA:ssa koostuu 30 kromosomista.

Jokainen yksittäinen kromosomi on yksi

pitkä DNA-molekyyli. DNA koostuu emäspareista.

Emäsparit koostuvat neljästä emäksestä

(A=adeniini, T=tyymiini, C=sytosiini, G=guaniini).

Naudalla näitä erilaisia emäspareja

on 3000 miljoonaa. Emäsjärjestyksen mukaan

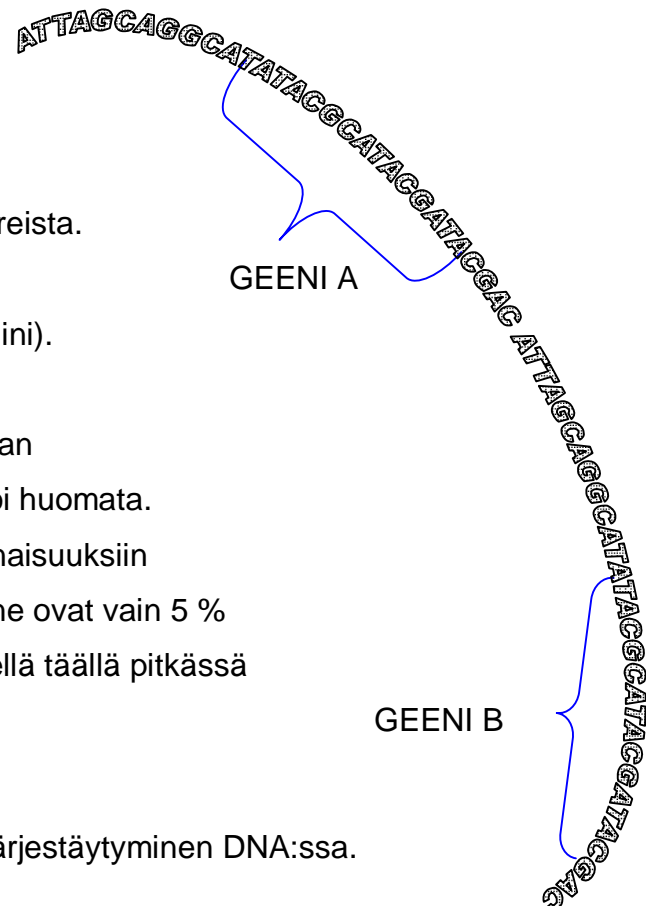
syntyy erilaisia geenejä, kuten kuviosta 1 voi huomata.

Geenit vaikuttavat yksilön perinnöllisiin ominaisuuksiin

Geenejä arvioidaan olevan noin 20 000, ja ne ovat vain 5 %

koko genomista. Geenit ovat siis pätkinä siellä täällä pitkässä

DNA-rihmassa. (Mäntysaari 2008.)



Kuvio 1. Geenien järjestäytyminen DNA:ssa.  
(Mäntysaari 2008.)

Genotyyppityksessä skannataan auki koko genomi eli avataan DNA-rihmassa olevat emäsparit toisistaan ja paikallistetaan eri emäksien paikat. Koko genomi skannataan käyttäen apuna ns. SNP-merkkejä eli yksittäisiä emäksiä, jotka etsivät avatusta genomista omat vastinemäsparinsa. Tämän uusimman teknologian myötä on mahdollista etsiä genomista yksittäisiä geenejä. Aikaisemminkin on pystytty paikantamaan suuria geenialueita, mutta yksittäisten geenien etsiminen on uutta (Faba Jalostus 2009). Tarvitaan riittävästi SNP-merkkejä, jotta löydetään tarvittavat geenit. Nyt käytössä on 60 000 SNP-merkkiä kattava tiheys. Tällä tekniikalla etsitään sitten valtaosa naudan perinnöllisiin ominaisuuksiin vaikuttavista geeneistä. (Mäntysaari 2008.) Tiheä genotyyppitys tehdään ns. SNP-mikrosirulla, joka antaa yhdellä analyysillä tiedot 58 000 geenimerkistä eläimen DNA:ssa (Mäntysaari 2009, 12–13).

Eri eläinyksilöillä SNP-tyypityksen tulos on joko 1 tai 0. Tämä tarkoittaa, että löytyykö SNP-merkin läheltä positiivinen geeni vai ei. Positiivisella geenillä tarkoitetaan emäksien sarjaa, joka muodostaa etsityn geenin. SNP-merkeillä ei siis etsitä varsinaisesti geeniä itseään, vaan geeniin kuuluvia emäksiä (Himanen 2009g). Täytyy muistaa, että emäsparissa on kaksi eri emästä eli alleelia, joten jossain tapauksessa sonni saattaa saada SNP-arvon 1 ja 0. Myös tämä pitää ottaa malliyhtälön kaavoissa huomioon. Kun naudalle on saatu selvitettyä sen genotyyppitys (esim. 110001001011...), täytyy ratkaista SNP-arvojen 0 ja 1 vaikutus jalostusarvoon. Tämä ratkaistaan tekemällä genotyyppitykset jo jälkeläisarvostelun saaneille naudoille (lähinnä keinosiemennyssonnit) ja vertailemalla genomisia arvosteluja ja jälkeläisarvosteluja keskenään. (Mäntysaari 2008.)

Naudasta tarvitaan siis vain sen DNA:ta, joka tyypitetään SNP-merkkien avulla. Genotyyppitys voidaan siis tehdä kaiken ikäisille naudoille, jopa alkioille. Se, että genotyyppityksien tuloksista saadaan selville eläimen genomiset jalostusarvot, vaatii sitten pidempiaikaisen työn. (Himanen 2009b.)

## **2.2 Genominen jalostusarvostelu**

### **2.2.1 Genominen malliyhtälö**

Ensimmäiseksi tarvittiin tyttäriensä mukaan jo arvosteltuja sonneja (referenssisonneja), jotta voitiin määrittää tarvittava määrä SNP-merkkejä. Arvosteltuja sonneja tarvitaan 2000kpl, jotta noin 54 000 SNP-merkkiä saadaan määritettyä eli yhdistettyä ominaisuudet ja geenit toisiinsa. (Himanen 2009b.) Suuri määrä geenimerkkejä edellyttää suurta määrää referenssisonneja, jotta saadaan rakennettua tarkka genominen malliyhtälö. Tehokkaalla laskennalla luotettavat ennusteyhtälöt ovat laskettavissa noin 2000–3000 sonnin tiedoista. (Mäntysaari 2009.) Genominen malliyhtälö rakennetaan sitten vertaamalla luotettavasti arvosteltujen sonnien SNP-merkkejä eli genomisia arvoja sonnien jälkeläisarvostelutietoihin (Himanen 2009a). Kun niiden välisiä yhteyksiä tutkitaan riittävästi, saadaan selville ennuste, jonka avulla nuoret sonnit voidaan arvostella. Suora genominen arvo perustuu siis koko perimän kattavaan tiheään genotyyppitykseen ja tästä laskettuun ennusteeseen eläimen geenivaikutusten arvosta. Tulevilta keinosiemennyssonneilta riittää vasikkana saada selville niiden genominen arvo, jota verrataan malliyhtälöön. Vertailussa saadaan selville sonnin genominen jalostusarvo. (Mäntysaari 2009.) Genotyyppitys tehdään sonnille yhden kerran, jolloin siltä saadaan selville nuo kaikki 58 000 SNP-merkkiä, joiden mukaan malliyhtälö on rakennettu (Himanen 2009g).

### **2.2.2 Referenssiryhmä**

Referenssiryhmän genomisten ratkaisujen perusteella voidaan arvostella uudet eläimet. Siten vasikka, jolla ei vielä ole mitään omia tuloksia, voi saada genotyyppityksensä jälkeen arvostelut kaikissa niissä ominaisuuksissa, jotka referenssiryhmästä on olemassa. (Himanen 2009a.)

Genominen valintaohjelma voidaan toteuttaa vain roduille, joilta löytyy riittävästi jälkeläisarvosteltuja keinosiemennyssonneja referenssisonneiksi. Tällaisia rotuja

on tällä hetkellä olemassa seitsemän kappaletta; kansainvälinen holstein, pohjoismainen punainen, lypsyrotuinen simmental, jersey, montbeliard ja normande Ranskassa sekä brown swiss. Näistäkin roduista vain holstein, pohjoismainen punainen ja lypsyrotuinen simmental omaavat vakuuttavasti riittävät määrät arvosteltuja sonneja. Keinosiemennyssonnilla tulee lisäksi olla riittävästi arvosteltuja tyttäriä, jotta sen jalostusarvo olisi riittävän luotettava. Tämä tarkoittaa 100–150 arvosteltua tytärtä vähintään. Lehmien käyttö referenssieläimenä on tällä hetkellä vielä liian kallista. Lehmien jalostusarvojen arvosteluvarmuus on jälkeläisten vähyyden vuoksi vain noin 50–60 %, kun taas sonneilla se nousee lähelle 100 %. (Mäntysaari 2009.) Teoriassa 100 %:n arvosteluvarmuus on mahdoton, mutta sonnin arvosteluvarmuus on 99 %, kun sonnilla on 2000 tytärtä tuotannossa (Aro, Hilpeä-Lallukka, Toivonen & Vahlsten 2007, 37). Näitä sonneja on kuitenkin olemassa keinosiemennysohjelmassa hyvin vähän, joten käytännössä sonnienkaan arvosteluvarmuus ei noin korkealle nouse. Vain joillakin valiosonneilla on tyttäriä tuhansia. Yleensä sonnilla, jolta on suoritettu vain nuorsonnisiemennykset, on tyttäriä 100–200. (Himanen 2009h.)

### **2.2.3 Genominen jalostusarvoindeksi GEBV**

Sonnin genominen arvo täytyy vielä yhdistää polveutumisindeksiin, jotta saadaan genominen jalostusarvoindeksi GEBV (genomic expected breeding value) (Kuvio 2). Eläimen polveutumisindeksi, nykyisin odotusarvona tunnettu, saadaan sen vanhempien jalostusarvojen keskiarvosta (Aro ym. 2007, 31). GEBV sisältää samojen ominaisuuksien periytymistiedon kuin perinteinen jälkeläisarvostelukin. Se voi luotettavuudeltaan kilpailla jopa jälkeläisarvostelujen kanssa. Suurin hyöty GEBV:n käytöstä saadaan arvioitaessa ominaisuuksia, joiden arvosteluvarmuus on perinteisessä jälkeläisarvostelussa matalin. Ominaisuuden periytymisaste, eli kuinka paljon perimä vaikuttaa lehmän tutkittaviin ominaisuuksiin, on suuressa osassa perinteisiä jälkeläisarvosteluja tehtäessä (Aro ym. 2007, 32). Genomisessa arvostelussa sitä ei tarvitse huomioida. Tästä syystä esimerkiksi amerikkalaisissa tutkimuksissa GEBV-indeksi on saanut sonnien tyttärien uusimattomuusarvosteluissa niin hyvät tulokset, että ne vastaavat 67 tyttärestä tehdyn jälkeläisarvostelun luotettavuutta. (Mäntysaari & Juga 2009, 15–17.)

Kuvio 2. Genomisen jalostusarvoindeksin muodostuminen.

### VAIHE 1

SNP merkkien  
määrittäminen



Referenssiryhmä  
- jälkeläisarvostellut  
sonnit



Genotyyppitykset  
vrt. jälkeläisarvostelut



Genominen  
malliyhtälö

**Polveutumisindeksi**  
= sonnin emän ja isän  
jalostusarvojen keskiarvo



### VAIHE 2

Arvostelemattomat eläimet  
- keinosiemennyssonnivasikat  
- lehmät ja hiehot



Genotyyppitykset



**Genominen  
jalostusarvo**



**GENOMINEN  
JALOSTUSARVOINDEKSI  
GEBV**

#### 2.2.4 Genomisen arvostelun tulokset

Genomisen arvostelun tulokset ovat luettavissa samanlaisina indekseinä kuin perinteisen jälkeläisarvostelunkin. Kun referenssiryhmään on riittävästi sonneja, saadaan esille herkimmätkin perinnölliset ominaisuudet kuten uusimattomuus ja kestävyys. Pohjoismaissa meillä on riittävästi ja monipuolisesti arvosteltuja sonneja, niin että genomiset malliyhtälöt saadaan kehitettyä kaikille jälkeläisarvostelussa arvioitaville ominaisuuksille (Mäntysaari 2009). Genomisen arvostelun tuloksissa saadaan siis selville niin tuotos-, terveys- kuin rakenneominaisuudetkin. (Himanen 2009c.)

Genomiset tulokset ovat rotukohtaisia, koska genominen jalostusarvostelu perustuu aikaisemmin laskettuihin genomisiin malliyhtälöihin. Malliyhtälöiden rotukohtaisuus johtuu rotujen välisistä geneettisistä eroista. Ayrshire-rotuiselle sonnille ei voi laskea genomista jalostusarvoa holstein-rodun malliyhtälöiden mukaan. Ennusteiden arvo myös laskee koko ajan iän myötä. Kun seuraava

parempi sukupolvi kehittyä, ei se enää ole verrattavissa vanhoihin genomisiin malliyhtälöihin. Tästä syystä genotyyppityksiä, jälkeläisarvosteluja ja niiden vertailua keskenään tulee tehdä koko ajan lisää uusista sukupolvista. (Mäntysaari 2008.)

Genomisen jalostusarvostelun tuloksia myös tarkkailun vuoksi seurataan koko ajan vertaamalla niitä sonnin saamiin jälkeläisarvosteluihin (Mäntysaari 2008). Jalostusarvon määrittäminen ei geeneistä ole kuitenkaan yksitoikkoisen helppoa. On huomioitava, että läheskään kaikkia perinnöllisiin ominaisuuksiin vaikuttavia satoja tai jopa tuhansia eri geenejä ei edes tunneta. Ominaisuuksien geeneillä voi myös olla jonkinlaisia epäsuoria vaikutteita toisiinsa, jotka eivät ehkä koskaan selviä. (Mäntysaari & Stranden 2009a, 26–27.)

### **2.2.5 Perimä ja ympäristötekijät**

Lehmän perimä määräytyy munasolun hedelmöityshetkellä eikä muutu sen jälkeen. Genomivalinnalla saadaan selville, mitä tulevan jälkeläisen perimä sisältää (Mäntysaari 2008). Ympäristötekijät ovat perimän lisäksi toinen suuri osapuoli, jotka vaikuttavat lehmässä ilmeneviin ominaisuuksiin. Ympäristötekijöitä, jotka muuttuvat tilanteen ja karjojen mukaan ovat ruokinta, hoito, navettaolosuhteet, vuodenaika, sairastumiset, mittausvirheet ja muut ulkoiset seikat. (Aro ym. 2007, 31.)

### 3 GENOMISEN VALINNAN EDISTYMINEN ULKOMAILLA

Ensimmäisenä genomiset jalostusarvostelut otti käyttöön USA. Se julkaisi keinosiemennyssonnienviralliset ensimmäiset arvostelut tammikuussa 2009. Kehitystyö genomisille jalostusarvoille on ollut kuitenkin käynnissä muutaman vuoden jo monessa eri maassa. Erityisesti ne maat, jotka kilpailevat lypsykarjan jalostustuloksilla ja markkinoivat jalostuseläinainesta, ovat olleet mukana kehittämässä genomista valintaa. USA:n lisäksi vielä tänä vuonna genomiset jalostusarvostelut aikovat julkaista Kanada, Saksa ja Irlanti. Myös Hollanti on jo hyödyntänyt genomisia jalostusarvoja omissa jalostusohjelmissaan. Tanskassa on laskettu ensimmäiset genomiset arvostelut VikingGeneticsin holstein-sonneille viime vuoden elokuussa (Borchersen 2008). Kehittyminen on kaikissa maissa keskittynyt pääosin holstein-rotuun. (Mäntysaari & Stranden 2009b, 27.) VikingGenetics oli vuoden vaihteeseen mennessä genotyyppittänyt 2500 sonnia. Kanadassa ja USA:ssa samainen luku oli viime syksynä jo 6000. (Mäntysaari 2008.)

Tavoitteena VikingGeneticsillä on saada nopeammin perinnöllistä tietoa sonneistaan. Yhdistämällä Pohjoismaiden suuret lypsykarjamäärät se saa käyttöönsä laajan skaalan hyviä, tarkasti arvosteltuja sonneja, joille on helppo jo kerättyjen tietojen avulla tehdä malliyhtälöt ja laskea genomiset jalostusarvot. Tarkoituksena on jalostaa sonneja, jotka periyttävät jälkeläisilleen terveyttä, pitkäikäisyyttä ja kestävyyttä, jonka kautta ne parantavat lypsykarjatilojen taloudellisuutta. (Borchersen 2008.)

Maailmalla myydään jo genomivalintaan perustuvaa sonnin spermaa, mutta genomityypityksillä saatua malliyhtälöä ei ole kukaan vielä antanut julkisuuteen. Tämä tietenkin siksi, että kilpailu säilyy kovana. Tällaiset spermaerät voivat kuitenkin periaatteessa olla mitä tahansa, sillä eihän pelkkä menetelmän käyttö tee siemenestä hyvää. Malliyhtälön tulee olla luotettava ja hyviin tietoihin perustuva, jotta siihen voi täysin luottaa, on todennut Faba Jalostuksen



kehityspäällikkö Jaana Kiljunen syksyllä 2008. Todennäköisesti EU-komissio tulee vaatimaan menetelmien julkistamista. (Tuovinen 2008,33.)

## **4 SUOMALAINEN LYPSYKARJANJALOSTUS**

### **4.1 Lypsyrotujen jalostusohjelma**

#### **4.1.1 Arvostelumenetelmä**

Tänä päivänä FABA eli Faba Jalostus ja Faba Palvelu vastaavat suomalaisen lypsykarjan jalostus- ja keinosiemennystoiminnasta. Suomen 300 000 lypsylehmästä 240 000 kuuluu jalostussuunnittelun piiriin. Keinosiemennyksiä tehdään Suomessa vuosittain noin 700 000. Jalostus on erittäin tärkeä osa lypsykarjataloutta. Sen tavoitteena on maidontuotannon taloudellisen kannattavuuden parantaminen ja kestävämmän tuotannon edistäminen. (Faba Jalostus 2009.)

Suomessa on ollut käytössä lypsykarjalle arvostelumenetelmä, joka pohjautuu matemaattisiin malleihin (Faba Jalostus 2009). Puhutaan BLUP-menetelmästä, jolla arvioidaan eläinten jalostusarvot. Niissä eläimen omien tietojen lisäksi on käytetty sen tunnettujen sukulaisten tietoja. Laskennoissa otetaan huomioon myös ympäristötekijät ja ominaisuuden periytymisaste. (Aro ym. 2007, 37.) Esimerkiksi hedelmällisyyden periytymisaste on vain 0,1 eli 10 %, kun taas rakenneominaisuuksilla arvo on peräti yli 0,4. Mitä korkeampi on ominaisuuden periytymisaste, ja mitä enemmän eläimeltä on rekisteröity sen omia tai sukulaisten mittaustuloksia, sitä suuremmalla todennäköisyydellä jalostusarvo saadaan laskettua oikein. (Aro ym. 2007, 31–32.) On kuitenkin muistettava, että jalostusarvo on aina jalostusarvon ennuste, sillä kaikkia harhaa aiheuttavia tekijöitä ei vielä tunneta. Esimerkiksi ominaisuuksien välisissä yhteyksissä on vielä paljon epäselvyyttä. (Faba Jalostus 2009.)

#### 4.1.2 Keinosiemennyssonniketju

Keinosiemennyssonneille jalostusarvo arvioidaan sukulaisten perusteella. Eniten arvioinnissa painottuvat sonnin omat tyttäret, jolloin voidaan alkaa puhua jälkeläisarvostelusta. (Faba Jalostus 2009.) FABA ostaa keinosiemennyssonnikandidaatit lypsykarjailta. Jalostusneuvojat ovat ympäri maata valinneet jalostussuunnittelun piiriin kuuluvilta tiloilta parhaita lypsylehmiä sonninemäehdokkaiksi, joista Faba Jalostuksen jalostusagronomi sitten valitsee parhaat mukaan jalostusohjelmaan. Sonninemäehdokkaat siemennetään sen hetken parhaimmilla sonneilla, jotka on valittu sonninisiksi. Syntyneet sonnivasikat tarjotaan myyntiin Faba Jalostukseen. Emän rakenteen ja sonnivasikan kunnan tarkastuksien jälkeen vasikka mahdollisesti ostetaan keinosiemennyskäyttöön. Keinosiemennysosuuskunnat ostavat vuosittain noin 230 ayrshire- ja 85 holsteinvasikkaa. Suomenkarjasta ostetaan vasikoita tarpeen mukaan. (Aro ym. 2007, 86–87.)

Keinosiemennyskäyttöön ostettu sonnivasikka kuljetetaan syntymätilalta kolmen kuukauden ikäisenä Muhokselle Viskaalin yksilötestiasemalle. Sonnit kasvatetaan kymmenen kuukauden ikäisiksi, minkä jälkeen ne rakenearvostellaan. Parhaat sonnit hyväksytään nuorsonnikäyttöön ja siirretään keinosiemennysasemalle Pieksämäkeen. Vuosittain nuorsonneiksi valitaan 180 sonnia. (Aro ym. 2007, 88–89.)

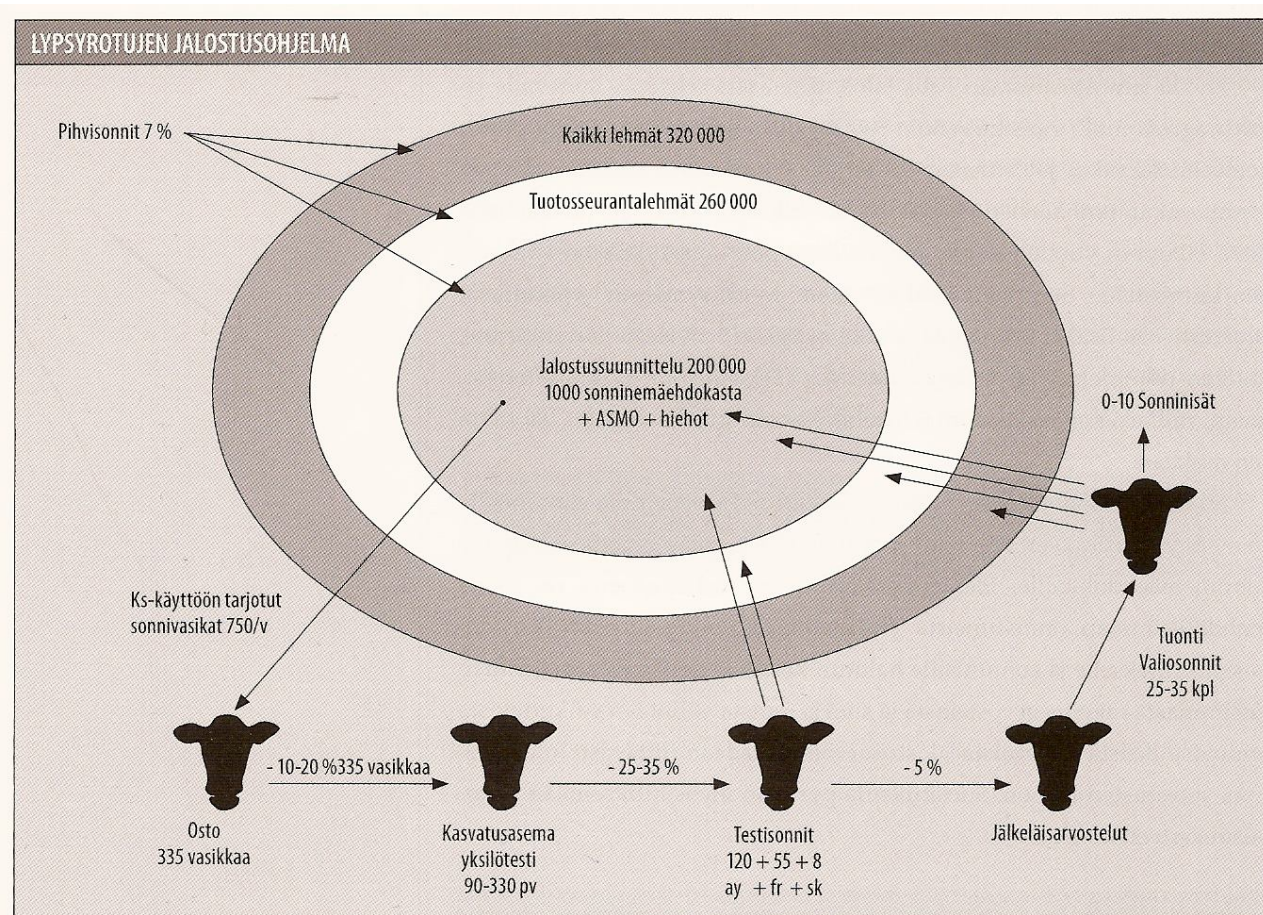
Siementä aletaan kerätä vuoden ikäiseltä sonnilta. Nuorsonnilta kerätään 3000 siemenannosta, joista nuorsonnisiemennyksiin käytetään välittömästi 1200 annosta. Loput 1800 annosta pakastetaan säilöön. Nuorsonneilta siementä kerätään kerran viikossa. Tarvittava siemenannosmäärä täyttyy noin kuudessa viikossa. (Himanen 2009c.) Kun tarvittava siemenannosmäärä on täyttynyt, siirtyy sonni odottamaan tyttäriensä arvosteluja Hollolaan sonniasemalle. Nämä odotusaikasonnit ovat Hollolassa lähes neljä vuotta odottamassa, kun niiden tyttäret syntyvät, poikivat ja arvostellaan, jotta sonnille voidaan sitten tehdä jälkeläisarvostelu. Jälkeläisarvostelun saaneista sonneista parhaat valitaan valiosonneiksi ja ne viedään takaisin Pieksämäelle. Pieksämäellä valiosonnit

asuttavat 24-paikkaista sonnihovia, ja niiltä kerätään viikoittain tarvittaessa siementä. (Aro ym. 2007, 91–92.)

Nykyinen lypsyrotujen jalostusohjelma vaatii suurta eläinmäärää. Tästä syystä keinosiemennyssonneja liikkuu ketjussa todella paljon. (Kuvio 3.)

Kuvio 3. Jälkeläisarvosteluun perustuvan lypsyrotujen jalostusohjelman sonniliikenne.

(Aro, ym. 2007, 85.)



## 4.2 FABA mukaan VikingGeneticsiin

VikingGenetics on syntynyt vuoden 2008 alussa, kun tanskalainen Dansire ja ruotsalainen Svensk Avel yhdistyivät. VikingGenetics arvostelee vuosittain lähes 500 sonnia. Firma on täten yksi maailman suurimmista jalostusyrityksistä.

(Lintukangas 2009a, 4.) FABA aloitti keskustelut yhtiöön mukaan lähtemisestä viime talvena. Päätös syntyikin aika nopeasti viime keväänä, ja FABA yhdistyy 1.1.2010 VikingGeneticsiin. (Lintukangas 2009c, 9.) Suomalainen keinosiemennysasematoiminta viedään VikingGeneticsin hallintaan, mutta FABA jatkaa jäsenkarjojensa palvelua kuten ennenkin. Siemennykset, toimiluvat ja siemenannoksien jako jatkuu normaalisti. Myös jalostusneuvonta jää palveluosuuskuntaan. Vain siemen ostetaan jatkossa VikingGeneticsiltä. Suomi saa myös säilyttää kaikki sonniasemansa, sillä VikingGeneticsin tarkoituksena ei ole niitä lakkauttaa. (Lintukangas 2009a, 5.)

VikingGeneticsin jalostusohjelman erityisinä päätavoitteina ovat olleet eläinten terveys, hedelmällisyys, käyttöominaisuudet, tuotos ja rakenne. Niiden parantamiseen pyritään myös jatkossa. Yhteisistä päämääristä pitää huolta Pohjoismainen arvosteluyhdistys NAV (Nordisk Avelsvärdning). (Lintukangas 2009a, 4.) NAV ja yhteinen pohjoismainen NTM-jalostusarvoindeksi on perustettu jo vuonna 2002, jolloin Suomikin oli mukana niitä perustamassa (Tuovinen 2008).

FABA tulee omistamaan VikingGeneticsistä neljänneksen. VikingGeneticsissä Suomi pääsee mukaan paitsi genomiprojektiin myös päättämään ja ohjaamaan pohjoismaisen naudanjalostuksen suuntaa. Pohjoismaisesta yhteistyöstä hyödytään monella eri rintamalla. Erityisesti naudanjalostuksen haasteellisuuden ja arvokkuuden takia yhteistyö on erittäin kannattavaa. Ajan tasalla pysyvän jalostuksen kehittäminen olisi suomalaiselle FABA:lle yksinään liian iso haaste. (Lintukangas 2009a, 5.) VikingGenetics tarjoaa myös oivat markkinat sonnin sperman viennille ja tuonnille. Vuonna 2008 yhtiö toimitti Pohjoismaiden ulkopuolelle miljoona siemenannosta, kun taas Suomessa esimerkiksi vuonna 2007 suomalaista sonnin spermaa vietiin ulkomaille 90 000 annosta ja tuonti Suomeen oli 120 000 annosta. Puolestaan VikingGenetics yhtiöön kuuluvan Ruotsin yksikön sperman vienti oli vuonna 2007 660 000 annosta (Faba Jalostus, 2009). Suomalainen lypsykarjanjalostus saa myös käyttöönsä todella suuren valikoiman arvosteltuja sonneja. Holstein-sonnien määrä nousee 50:stä 300 sonniin ja punaisen rodun sonnien määrä kaksinkertaistuu. (Lintukangas 2009c, 9.) Suurin hyöty tuntuu tällä hetkellä kuitenkin olevan pääsy mukaan genomiseen valintaohjelmaan. Ilman fuusioitumista ei FABA:lla olisi ollut riittävästi taloudellisia

resursseja lähteä mukaan. (Lintukangas 2009a, 5.) Genotyyppitykset myös suomalaisille sonneille tehdään VikingGeneticsin tutkimusasemalla Tanskassa (Himanen 2009b).

## 5 GENOMINEN VALINTA SUOMEN JALOSTUSOHJELMASSA

### 5.1 Tavoitteet ja aikataulu

Tavoitteena on saada Suomeen käyttöön jalostusohjelma, joka hyödyntää genomisia jalostusarvoja. Sen avulla on tarkoitus säilyttää kotimaisen lypsykarjan jalostustoiminnan taloudellinen perusta ja nopeuttaa jalostusarvostelua. Luotettavamman ja nopeamman jalostusarvostelun avulla vastataan kansainväliseen kilpailuun ja säilytetään kotimaisen siemenen markkinaosuus nykyisellä tasolla. Samalla lisätään suomalaisen eläinjalostusosaamisen arvostusta kansainvälisesti ja pidetään suomalainen jalostustutkimus kilpailukykyisenä. Suomalaisen ayrshiren myyntiä ulkomaille on tarkoitus lisätä genomivalinnan avulla. Tavoitteisiin lukeutuu myös lypsykarjan geneettisen monimuotoisuuden ylläpitäminen ja suomalaisen punaisen rodun ainutkertaisuuden vaaliminen. Tarkoituksena oli kehittää kansainvälistä tutkimusyhteistyötä pääsemällä mukaan pohjoismaiseen genomisen valinnan tutkimus- ja tuotekehitystyöhön, jossa myös onnistuttiin. (Faba Jalostus 2009.) Vuonna 2009 on tavoitteena saada kasaan riittävä aineisto referenssieläimiä, jotta päästään laskemaan genomisia jalostusarvosteluja myös suomalaiselle ayrshire-rodulle. Lypsykarjanjalostus on keskittynyt maailmalla lähinnä vain holstein-rotuun, jolloin referenssieläimiä ayrshirelle on vaikeampi kasata. (Mäntysaari & Stranden 2009b, 27.)

Pohjoismaisilla punaisilla roduilla on etulyöntiasema muihin maailman punaisiin rotuihin verrattuna, sillä arvosteltujen sonnien määrät ovat muualla liian pieniä referenssiryhmän muodostamiseen. Arvostelut ovat luotettavat ja yhtäläiset yhteisestä arvosteluyhdistyksestä johtuen. Etulyöntiaseman Suomelle ja muille pohjoismaille antaa myös erittäin hyvin kehittynyt lehmien terveystietojen seurantajärjestelmä. Sen avulla kootut eläinten terveystiedot ovat helposti hyväksikäytettävissä genomisten arvostelujen malliyhtälöä rakennettaessa.

Pohjoismaissa saavutetaan alhaisten ja keskinkertaisten periytymisasteiden ominaisuuksissa suuremmat arvosteluvarmuudet kuin muualla maailmassa. Tämä johtuu sonnien suuremmista jälkeläisryhmistä. Tämän seurauksena myös pohjoismaisten genomisten arvostelujen varmuus voi olla muita maita parempi. (Faba Jalostus, 2009.) Referenssirymään valituilla sonneilla on tyttäriä 100–5000. Sonnilla, jonka spermalla on vasta suoritettu nuorsonnisiemennykset on tyttäriä keskimäärin 100–200, mutta vanhemmalla valiosonnilla voi jälkeläismäärät nousta jopa 5000:een. (Himanen 2009h.)

Genomivalintaa hyödynnetään ainakin näin alkuun vain sonneilla. Niillä on riittävästi tyttäriä, jotta genomisia jalostusarvoja voidaan laatia. Aikataulullisena tavoitteena oli tarkoitus saada ensimmäiset suomalaiset sonnit mukaan referenssirymän genotyyppitykseen keväällä 2009. Ensimmäiset varsinaiset genomiset jalostusarvostelut on tavoitteena ottaa käyttöön heinäkuussa 2009. Näiden holstein-sonnivasikoiden verinäytteet lähetettiin Tanskaan toukokuussa. (Himanen 2009b.)

Jatkossa verinäytteet on tarkoitus kerätä sonneilta jo pienenä vasikkana niiden syntymätilalla. Kun sonnivasikoille saadaan genomiset jalostusarvostelut, tekee FABA niiden perusteella ostopäätökset keinosiemennykseen tarjotuista sonnivasikoista. (Himanen 2009c.) Genomisten jalostusarvojen tieto mahdollistaa myös hieman sonnivasikoiden hinnoittelun porrastamista ostovaiheessa. Parhaiden genomisten jalostusarvojen omaavista sonneista on mahdollisuus alkaa maksaa tiloille hieman parempaa hintaa. (Himanen 2009b.)

## **5.2 Toteutus ja kehittyminen**

Kevättalvella 2009 Suomessa alettiin kerätä veri- ja spermanäytteitä referenssirymän genotyyppityksiä varten. Kaikkien vuosina 1995–2004 syntyneiden holstein- ja ayrshire-sonnien, joilla on jo jälkeläisarvostelu, näytteet kerättiin keväällä ja lähetettiin Tanskaan. Elossa olevilta sonneilta otettiin verinäytteet ja jo teurastetuilta sonneilta lähetettiin pakastettua spermaa. Ryhmään kuului 1500 ayrshire-sonnia ja yli 500 holstein-sonnia. (Himanen 2009b.) Koska



elossa olevat sonnit ovat keinosiemennysasemilla, näytteiden keruun suorittivat asemaeläinlääkärit yhdessä asemien työntekijöiden kanssa. Kun sonnien genomiset jalostusarvostelut saatiin, voitiin niitä verrata sonnien jälkeläisarvosteluihin. Tiedot olivat odotetunlaisesti samaa luokkaa. (Himanen 2009c.) Holstein-sonnien genotyyppitustulokset eivät ehtineet mukaan referenssiryhmään, joten laskennassa käytetään toistaiseksi tanskalais-ruotsalaisia ratkaisuja (Himanen 2009a). Myös vuosien 2005-2007 odotusaikasonnien spermanäytteet lähetettiin keväällä Tanskaan genotyyppitettäväksi (Himanen 2009b).

Ensimmäiset sonnit, joiden genomisia jalostusarvoja voidaan hyödyntää sonnivalinnassa, ovat 1.5.–30.9.2008 syntyneet holstein-sonnit (Himanen 2009a). Ne ovat tulleet kesällä 2009 Pieksämäelle siementuotantoa varten. Näiden sonnien verinäytteet lähetettiin Tanskaan genotyyppitystä varten toukokuussa. Tulokset eli genomiset jalostusarvoindeksit tulivat heinäkuun lopulla, ja niitä käytettiin hyödyksi valittaessa sonneja nuorsonnisiementuotantoon. Muutama selvästi huono sonni karsittiin genomisten jalostusarvostelujen perusteella. 1.10.–30.11.2008 syntyneiden sonnivasikoiden verinäytteet lähetettiin Tanskaan heinäkuussa 2009. Niistä on tarkoitus saada genomiset jalostusarvostelut holstein-sonneille syyskuun lopulla. (Himanen 2009d.)

Ensimmäisten pienten sonnivasikoiden (keinosiemennyssonniehdokkaiden) verinäytteet on kerätty kesällä 2009 ja lähetetty Tanskaan heinäkuussa. Näistä holstein-sonneille tulokset tulevat syyskuun lopulla. Tässä vaiheessa saatavia genomisia arvosteluja ei julkaista yleiseen käyttöön, sillä tietoja pidetään vielä epävirallisina. Genomisten tulosten oikeellisuutta halutaan vielä seurata vertailemalla niitä sonnien jälkeläisarvosteluihin. (Himanen 2009d.)

### **5.2.1 Ayrshire-rodun genomivalinnan kehitys**

Genomivalinta on kehittynyt lähinnä vain holstein-rodun piirissä, sillä se on maailmalla yleisin lypsykarjarotu. Genomisia jalostusarvoja voidaan tänä päivänä laskea vasta vain sille rodulle. Suomessa holstein-rotua on lypsykarjasta noin

30 %. Meillä valtarotuna on ayrshire (69,2 %). Suomalaiselle lypsykarjanjalostukselle olisi siis tärkeää, että myös ayrshire-rodulle kehitettäisiin genomiseen valintaan referenssiryhmä. Silloin genomiset jalostusarvot voitaisiin ottaa käyttöön myös meidän valtarodullamme. (Faba Jalostus 2009.)

Suomalaisen ayrshiren lisäksi myös muut pohjoismaiset punaiset lypsykarjarodut eli Ruotsin (SRB) ja Tanskan punainen (RDM) ovat tällä hetkellä vailla genomisiin arvosteluihin tarvittavaa referenssiryhmää. Kustakin rodusta on kuitenkin genotyyppitetty eläimiä. Nämä kolme punaista rotua olisi tarkoitus yhdistää, jolloin saataisiin tarpeeksi suuri referenssiryhmä. Asiaa ei kuitenkaan ole vielä kesällä 2009 päätetty. (Himanen 2009c.)

### **5.2.2 Genomiset jalostusarvot keinosiemennyssonnivasikoille**

Genomisia arvosteluja tullaan eniten hyödyntämään keinosiemennyssonnien valinnassa. Kun mahdollisista keinosiemennyssonnivasikoista saadaan genomiset jalostusarvostelut tietoon, voi FABA niiden avustamana tehdä ostopäätökset parhaiksi arvioiduista sonneista. Kesäkuun 2009 alun jälkeen syntyneistä sonnivasikoista on otettu verinäytteet ja lähetetty genotyyppitystä varten Tanskaan. Tätä varten alettiin toukokuussa kouluttaa jalostusneuvoja verinäytteiden ottoon, jolloin he voivat jatkossa ottaa sonnivasikoilta näytteet jo syntymätilalla. (Himanen 2009a.) Kun sonnien genominen jalostusarvo saadaan tietoon jo sonnien ollessa vasta vasikka, säästetään paljon aikaa ja rahaa. Suurin hyöty saadaan, kun sukupolvien välinen ero pienenee ja sonniliikenne vähenee. (Himanen 2009c.)

Tulevaisuudessa FABA varaa keinosiemennyssonnivasikoita tiloilta enemmän, mutta ostopäätökset tehdään vasta genomisten arvostelujen saavuttua. Sonnejä ostetaan keinosiemennyskäyttöön vähemmän kuin ennen. Varatut vasikat odottavat syntymätilalla, kunnes ostopäätös varmistuu. Kuljetus Muhokselle tapahtuu kuitenkin suurin piirtein samassa aikataulussa kuin ennenkin eli vasikan ollessa 4-5 kuukauden iässä. (Himanen 2009a.)

Nuorsonnisiemenen tuotantovaiheessa huomioidaan genomiset jalostusarvot siten, että parhaimmilta sonneilta otetaan enemmän siementä pakkaseen ja huonommilta vähemmän. Myös heti käyttöön otettavat nuorsonnisiemenannokset, jotka jaetaan seminologeille, porrastetaan. Parhaimmilta sonneilta jakoon laitetaan 1200 siemenannoksen sijasta 1600 annosta ja heikommilta 800 annosta. Nämä annosmäärät kuitenkin takaavat mahdollisuuden tehdä sonneille myöhemmin myös jälkeläisarvostelut. (Himanen 2009c.)

### **5.2.3 ASMO-ydinkarjan rooli**

Toukokuussa ja heinäkuussa sonnien verinäytteiden lisäksi Tanskaan lähetettiin myös verinäytteitä ASMO-ydinkarjan lehmistä (yhteensä 35 näytettä). Lehmille on tarkoitus saada genomiset jalostusarvostelut, jotta niitä voidaan vertailla lehmien BLUP-arvosteluihin. (Himanen 2009d.) Tavoitteena on genotyyppittää myös ASMO-ydinkarjaan hankittavat hiehot (Himanen 2009a).

### **5.3 Missä ollaan nyt, lokakuu 2009**

Kaikille holstein-rotuisille nuorsonneille on olemassa genomiset jalostusarvostelut ennen kuin ne tulevat siementuotantoon. Ennen Pieksämäelle siementuotantoon tuloa sonneista tehdään karsintaa genomisten arvostelujen avulla. Huonoimmat sonnit karsiutuvat pois. Siementuotantoon tulevien sonnien nuorsonnisiemenannoksien määrä on kuitenkin kaikilla sama. Genomisten arvostelujen perusteella aivan parhaimmat sonnit valitaan GenVikPlus-sonneiksi, ja niistä otetaan jo nuorsonnivaiheessa arviolta 10 000 siemenannosta käyttöön. Kaikille keinosiemennykseen valittaville holstein-sonnivasikoille on olemassa genomiset arvostelut, joiden perusteella lopulliset ostopäätökset tehdään. (Himanen 2009e.) Tällä hetkellä holstein-rodun tulokset vaikuttavat niin hyviltä, että mahdollisesti jo ensi vuonna voidaan sonneja valita enemmän genomivalintaan perustuen. Genomiset jalostusarvostelut näyttävät siis riittävän selkeästi sen, minkälainen periyttäjä sonni on. GenVikPlus-sonneiksi genomisten

tietojen perusteella valitut huippusonnien siemenannokset tulevat myyntiin Suomen markkinoilla vuoden vaihteessa. (Himanen 2009f, 13.)

Ayrshire-rodun kanssa on edetty yhdistämällä pohjoismaiset punaiset rodut (Suomen ayrshire, Ruotsin punainen (SRB) ja Tanskan punainen (RDM)). Näin punaisille roduille on saatu referenssiryhmä, ja genomisia arvosteluja on voitu tehdä. Ensimmäiset ayrshire-sonnien arvostelut pitäisivät valmistua lokakuun toisella viikolla 2009. (Himanen 2009e.) Tämän referenssiryhmän heterogeenisyydestä johtuen genomisten arvostelujen tulokset eivät ole olleet yhtä vakuuttavia kuin holstein-rodulla. Kun eläimiä genotyyppitetään tähän ryhmään lisää, paranevat toivottavasti myös tulokset. Tällöin ayrshire-rodulla olisi mahdollista jo ensi vuonna alkaa hyödyntää genomisia jalostusarvoja kuten holstein-rodullakin. (Himanen 2009f, 13.)

Sekä ayrshire- että holstein-roduilla aletaan ottaa maamme parhaista lehmistä ja hiehoista verinäytteitä genotyyppityksiä varten (Himanen 2009e). ASMO-ydinkarjan hiehoille ja lehmille tuloksia saadaan vuoden lopussa. Sen jälkeen myös yksityisillä karjanomistajilla on mahdollisuus lähettää verinäytteitä oman karjansa parhaimmistosta. (Himanen 2009h.)

Kaikki genomiset jalostusarvostelut ovat edelleen epävirallisia, eikä niiden tietoja julkisteta. Tulokset ovat näkyvillä vain niille FABAn virkahenkilöille, jotka tekevät niiden perusteella sonneista valintaa. (Himanen 2009e.) Tiedot julkistetaan, kun niiden luotettavuudesta ollaan riittävän varmoja ja varsinaiset genomiset jalostusarvoindeksit saadaan laskettua (Himanen 2009f, 13).

## 6 YKSITTÄISEN SONNIN VALINTAPROSESSI

Genominen valintaohjelma ei tule näkymään suurena muutoksena maidontuottajien päivittäisissä rutiineissa. Kun mahdollinen sonniehdokas keinosiemennykseen on syntynyt, ilmoittaa karjanomistaja siitä jalostusneuvojalle. Jalostusneuvoja tarjoaa sonnivasikkaa FABA:lle, joka tekee varaukset kiinnostavimmista sonneista niiden sukujen perusteella. Jalostusneuvojat käyvät tarkistamassa sonnin terveydentilan ja sen emän rakennearvostelun paikkansapitävyyden. Emässä tapahtuneet muutokset kirjataan ylös kuten ennenkin. Uutena tapahtumana on jalostusneuvojan ottama verinäyte sonnivasikasta. Verinäyte lähetetään Tanskaan genotyyppitettäväksi. Genomiset jalostusarvot saapuvat vajaan kahden kuukauden kuluessa. FABA valitsee varatuista vasikoista genomisen arvostelun mukaan parhaat vasikat. Tiloille ilmoitetaan vasikan osto- tai hylkäyspäätöksestä. Hylkäyksen syyksi tilalle ilmoitetaan vasikan heikko genominen jalostusarvo. (Pirinen 2009.)

Myöhemmin keinosiemennysketjussa genominen valinta tulee vaikuttamaan sonnin elämään aika vähän. Genomisen valinnan ollessa vasta näin alkutaipaleella, sonnit pidetään entiseen tapaan elossa kunnes niiden jälkeläisarvostelutkin ovat valmistuneet. Sonnit ovat tällöin noin viiden vuoden ikäisiä. (Himanen 2009c.) Jälkeläisarvostelut tulevat edelleen kertomaan sonnin todellisen arvon, sillä se on varmuudeltaan luotettavampi kuin genomiset arvostelut (Himanen 2009e).

## 7 GENOMINEN VALINTA TULEVAISUUDESSA

Genomiset jalostusarvoindeksit tullaan julkaisemaan kaikkien käyttöön, kunnes niiden antamaan tietoon on saatu riittävä varmuus. Tekniikka on aivan uutta meillä pohjoismaissa, joten ensimmäisiin arvostelutietoihin ei ole vielä luottaminen. (Himanen 2009c.)

Jälkeläisarvostelusta ei tulla näillä näkymin luopumaan ollenkaan, koska genomiselle arvostelulle tulee olla käytettävissä vertailupohja. Jos jälkeläisarvostelusta päätetään joskus tulevaisuudessa luopua, vähentää se huomattavasti eläinten arvosteluun tehtävää työtä. Sonnien jälkeläisiä ei tarvitsisi enää jalostusneuvojen käydä rakennearvostelemassa. (Pirinen 2009.)

Genomivalinta tulee tulevaisuudessa muokkaamaan keinosiemennyssonniketjua. Nuorsonneista (ikä 1-2vuotta), joilta otetaan nuorsonnisiemenannokset, tullaan tulevaisuudessa mahdollisesti päättämään jatkoon päässeet sonnit pelkästään genomisten arvostelujen perusteella. Joukon parhaat sonnit (noin 20kpl) nousevat suoraan valiosonneiksi ja keskitason sonnit (noin 80kpl) jäävät eloon odotusaikasonneiksi. Loput keskitasoa alhaisemmat sonnit laitetaan mahdollisesti nuorsonnisiemenannosmäärien täytyttyä teuraaksi. Odotusaikasonneja pidetään odottamassa jälkeläisarvosteluja. Jos arvostelut ovat jollain sonnilla erittäin hyvät, voidaan sonni vielä nostaa valioksi ja ottaa käyttöön siemenenottoon. Ehkä jonain päivänä voidaan luopua kokonaan odotusaikasonneista. Sonnimäärät ja sonnien kulku keinosiemennyssonniketjussa ovat vielä avoinna, sillä käytännönkokemus tulee lopulta näyttämään, miten edetään (Himanen 2009f). Tulevaisuudessa seminologeilla tulee kuitenkin siis olemaan tyypisäiliössään käytössä vain nuoria sonneja, jotka ovat genomisten arvostelujen perusteella jaettu nuor- ja valiosonneiksi. (Mäntysaari & Juga 2009, 16.)

Lehmillä genominen jalostusarvostelu kehittyy koko ajan. Nyt arvosteluja on tehty vain ASMO-lehmille ja hiehoille, mutta jatkossa arvostellaan myös muita maamme

parhaita lehmiä. Jos genotyyppityksien hinta laskee, voi olla mahdollista hankkia genomiset arvostelut todella monille lehmille. (Himanen 2009e.) Genominen arvostelu on kuitenkin tarkoitus tehdä maamme kaikille sonninemäehdokkaille, jolloin saadaan valittua parhaat periyttäjät sonninemiksi (Mäntysaari 2008). Genomisen arvostelun kehittyminen lehmillä kiinnostaa karjanomistajia erityisesti maidon pitoisuuksien periytymisen seurannan vuoksi, jolloin genomivalinnan tärkeys maidontuotannolle lisääntyisi suuresti (Brofeldt 2009, 5).

## 8 GENOMIVALINTA VRT. PERINTEINEN JÄLKEÄISARVOSTELU

### 8.1 Arvosteluvarmuus

Taulukko 1. Jälkeläisarvostelun, genomisen jalostusarvon ja odotusarvon arvosteluvarmuudet.

(Mäntysaari 2008.)

	<b>Jälkeläisarvostelu</b>	<b>Genominen Jalostusarvo</b>	<b>Odotusarvo</b>
<b>Tuotosindeksi</b>	0,90	0,55	0,35
<b>Valkuaisindeksi (tuotos)</b>	0,90	0,63	0,35
<b>Rasvaindeksi (tuotos)</b>	0,90	0,54	0,35
<b>Hedelmällisyys</b>	0,60	0,56	0,21
<b>Utareterveys</b>	0,70	0,50	0,21
<b>Kestävyys</b>	0,50	0,50	0,19

VikingGenetics on koonnut genomisista arvosteluista arvosteluvarmuustietoja (Taulukko 1). Niiden mukaan genomiarvojen arvosteluvarmuus on kohtuullinen. Se



päihittää jokaisella arvosteltavalla ominaisuudella odotusarvon arvosteluvarmuuden. Lähes samoihin arvosteluvarmuuksiin jälkeläisarvostelun kanssa se yltää hedelmällisyydessä, ja kestävyyydessä arvosteluvarmuus on jopa sama. Näissä kaikissa taulukossa 1 esitetyissä ominaisuuksissa arvosteluvarmuus genomiarvostelulla on yli 50 %. (Mäntysaari 2008.)

Tähän päivään mennessä genomisella valinnalla saavutetaan vielä viime vuotta korkeampia arvosteluvarmuuksia. Erityisesti alhaisen periytymisasteen omaavat ominaisuudet (terveys, hedelmällisyys, kestävyys) ovat saaneet arvosteluvarmuuksissaan hyviä tuloksia. Tulos on aika looginen, koska näihin ominaisuuksiin vaikuttaa suuri määrä ympäristökijöitä (olosuhteet, hoito, ruokinta, ilmanlaatu), jotka häiritsevät mitattua tulosta, ja heikentävät sen avulla laskettujen jälkeläisarvostelujen tulosta. (Faba Jalostus 2009.) Genomiarvostelun arvosteluvarmuudet lasketaan siihen erikseen tehdyllä kaavalla (Himanen 2009h).

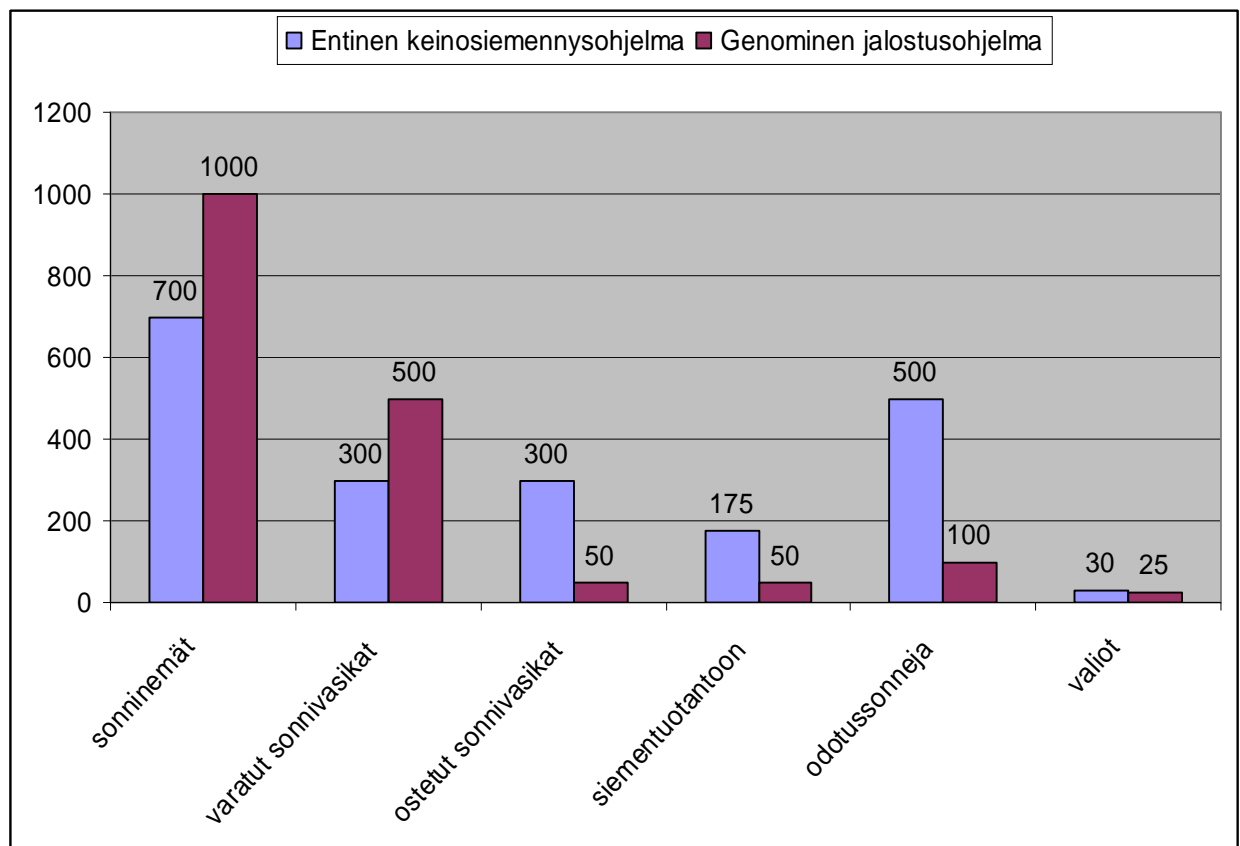
## **8.2 Eroavaisuudet sonniliikenteessä**

Genomivalinnan yhtenä suurimpana hyötynä FABA kokee itselleen sonniliikenteen vähenemisen (Kuvio 4). Myös rahaa säästyy, kun sonneja ei tarvitse ostaa ja ylläpitää niin paljon. (Himanen 2009c.) Entisessä keinosiemennysjalostusohjelmassa eli perinteisessä jälkeläisarvostelussa sonninemisiä on Suomessa 700 kpl. Niiltä valitaan vuosittain parhaat sonnivasikat jatsoon eli noin 300 sonnivasikkaa. Näistä nuorsonni-ikään ja siemenentuotantoon etenee noin 175 sonnia vuodessa. Tällä vauhdilla nuorsonneja on odotusvaiheessa aina kerrallaan noin 500kpl. Näistä 500 sonnista valiosonneiksi yltää vuodessa noin 30 sonnia, joista noin viisi valitaan isäsonneiksi. Tässä vaiheessa sonnilla on ikää jo viisi vuotta. (Mäntysaari 2008.)

Genomisessa jalostusohjelmassa jo tällä hetkellä sonniliikenne pienenee 1/3:n, kun huonot vasikat voidaan karsia heti alussa (Himanen 2009e). Tulevaisuudessa Suomen parhaat lehmät genotyyppitetään ja niiden joukosta valitaan parhaat sonninemiksi. Yhteensä noin 1000 sonninemää. Näiden sonnijälkeläiset genotyyppitetään (noin 500kpl/v) ja genomiarvostelujen perusteella valitaan parhaat

keinosiemennyssonneiksi. Keinosiemennyssonneja tulee vuodessa siemenentuotantoon noin 50kpl, joista parhaat saavat heti valiosonnin arvon. Odotusaikasonnejakin on täten kerrallaan vain noin 100kpl. Noin 25 sonnia saa vuodessa jälkeläisarvostelun. (Mäntysaari 2008.)

Kuvio 4. Entisen keinosiemennysohjelman ja genomisen jalostusohjelman eroavaisuudet sonniliikenteessä vuoden aikana.



### 8.3 Kustannussäästöt

Genomisessa valinnassa kustannussäästöjä tulee, kun sonneja ei tarvitse ostaa niin paljon eikä niitä kaikkia tarvitse ylläpitää jälkeläisarvostelun vaatimaa viittä vuotta. Kun ostetaan ja kasvatetaan 200 sonnia 300 sonnivasikan sijasta, säästyy siemenenottokuluineen noin 200 000€. Lisäksi vuoden aikana säästyy noin 200 sonnin ylläpitokustannus eli noin 200 000€. Yhden eläimen genotyyppitys maksaa

230€ (Faba Jalostus 2009). Vuoden aikana säästetyllä 400 000€:lla voi genotyyppityksiä tehdä lähes 1740 kpl.

Jos tulevaisuudessa ostetaan ja kasvatetaan vain 50 sonnia 300 sonnivasikan sijasta, säästyisi noin 500 000€. Lisäksi vuoden aikana säästyisi tällöin noin 300 sonnin ylläpitokustannus eli noin 300 000€. Genotyyppityksiä voisi tehdä vuoden aikana tuolla säästetyllä 800 000€:lla lähes 3500 kpl. (Mäntysaari 2008.)

## 9 POHDINTA

### 9.1 Genomivalinnan hyödyt

Ensimmäiseksi itselleni tuli mieleen, mitä hyötyä genomivalinnasta sitten on, jos perinteisestä jälkeläisarvostelusta ei voida kuitenkaan kokonaan luopua. Hiljalleen kuitenkin alkoi seljetä, miten suuri vaikutus genomivalinnalla oikein on.

Hyötyinä FABA:lle tulee tämä moneen otteeseen puhuttu sonnien väheneminen ja sen tuomat kustannussäästöt. Vaikka odotusaikasonneja vielä vähän jatkossakin kasvatettaisiin, pienenee sonniliikenne kuitenkin huomattavasti, eikä jälkeläisarvosteltavia sonneja ole enää niin paljon kuin ennen. (Faba Jalostus 2009.) Lisäksi keinosiemennyssonniketjussa on helpompi tehdä päätöksiä sonnien suhteen, kun tiedetään genomivalinnan avulla niiden periyttämiskyvystä. Esimerkiksi sonneista on helpompi luopua, jos tietää niiden olevan vain keskinkertaista tasoa. Joskus ongelmana sonneilla ilmenee huono sperman laatu (ei tarpeeksi tiheää tai huono morfologia) tai jokin rakennevika ja sen myötä kipuja, jolloin genomivalinnan avulla hoitomenetelmistä on helpompi tehdä päätökset. Genomisilta arvoiltaan parhailta sonneilta voidaan jo nuorena hyväkuntoisena sonnina ottaa suuret siemenvarastot. Nykyisen jalostusohjelman viisivuotias valiosonni on usein jo kipeytynyt jaloistaan tai selästään niin, että se ei enää ole kyvykäs hyppäämään pukille. Tällöin siemenenkeruu estyy täysin. Nuorilla sonneilla harvoin on jalka- tai selkäongelmia, ja ne hyppäävätkin vaivatta ja oikein mielellään.

Koko suomalaisen lypsykarjanjalostuksen yhteinen etu on se, että sukupolvien välinen aikaero lyhenee huomattavasti. Enää ei tarvitse odottaa viittä vuotta, jotta sonnille saadaan arvostelut. Tämä nopeuttaa perinnöllistä edistymistä. Myös jalostussuunnittelu tehostuu. (Faba Jalostus 2009.) On hyödyllistä, kun lehmille ja sonneille on mahdollista saada arvostelut jo vasikkana. Se antaa mahdollisuuden

tehdä valintaa eläinten välillä jo hyvin nuorena. Huonoimmista voi luopua ja parhaimmiston kasvatukseen voi rauhassa paneutua. Niistä kasvatetaan sitten lypsykarjajalostuksen kulmakiviä. Kun sukupolvien välinen ero pienenee, voidaan jalostaa lehmistä halutunlaisia nopeammin. Sonnien ja mahdollisesti myös lehmien periyttämiskyvyn ollessa tiedossa, osataan koko ajan tehdä oikeanlaisia eläinyhdistelmiä seuraavan paremman sukupolven luomiseksi. Kun arvostelut julkaistaan kaikkien saataville, voi karjanomistaja jo nuorsonnilla siementäessään tehdä valintaa sonnien välillä. Parempien nuorsonnien myötä myös oma karja paranee. Kun keinosiemennyssonneiksi valitaan genomisesti vain maan parhaimmistoa, ei huonoja periyttäjäsonneja mahdu vahingossakaan mukaan. Näin ollen lypsykarjatkin paranevat entisestään. Tämä tarkoittaa maidontuotannon tehostumista. Karjanomistajat saavat myös mahdollisuuden tarjota enemmän sonnivasikoita FABA:lle, joka genotyyppittää vasikat varattuaan ne. Myös sonninemiiä valitaan entistä enemmän. Kun keinosiemennysketjun kustannukset pienentyvät, pienenee todennäköisesti myös karjanomistajien keinosiemennyspalvelumaksut. Näin ollen maidontuotanto myös muuttuu siltä osalta taloudellisemmaksi.

Yhteisenä etuna niin FABA:lle kuin karjanomistajillekin voidaan pitää tautien leviämisen minimointia. Nykyiset tautitarkkailut ja karanteenit mahdollistavat erittäin harvoin tautien leviämisen, mutta kun sonniliikenne vähenee, vähenee automaattisesti myös tautiriskit tilojen ja keinosiemennysasemien välillä. Kaikkien etu on myös genomisten arvostelujen suuremmat arvosteluvarmuudet alhaisen periytymisasteen ominaisuuksissa. Arvostelut antavat vielä entistäkin tarkempaa tietoa sonnien periyttämiskyvystä. FABA tulee hinnoittelemaan jatkossa niin tilalta ostetut genomisesti arvostellut sonnivasikat kuin myös siemennykset genomisen arvostelun saaneilla sonneilla (Himanen 2009b). Tämä hyöty tulee niin karjanomistajille kuin FABA:llekin. Toki jokin tila saattaa saada hieman heikommasta sonnivasikastaan pienemmän hinnan kuin ennen. Hintojen porrastus on kuitenkin kaikkien etu, sillä paremmasta joutuu sitten maksamaan enemmän, niin tila kuin FABA:kin. Genomivalinnan tuloksia pystytään hyvin hyödyntämään paritusohjelmissa, jolloin jalostussuunnitelman teko on helppoa.

Genomivalinta takaa myös perinnöllisesti arvokkaiden sukujen jatkumisen. Kun genomisten arvostelujen mukaan on löydetty hyvä periyttävä sonni tai lehmä, tehdään varmasti kaikkensa, jotta sille saadaan jälkeläisiä. Suku saadaan nopeasti lisääntymään monien siemennysten, sukupuolilajitellun sperman ja alkionsiirron avulla. Näin hyvä lehmäsuku ei pääse kuihtumaan pois. Toisaalta genomivalinnassa löydetään myös geenivirheet ja muut ongelmalliset periytymisvirheet, jolloin ongelmasuvut saadaan karsittua pois (Faba Jalostus 2009).

## **9.2 Genomivalinnan ongelmat**

Haittana genomivalinnalla on tietenkin tuo hinta. Yhden eläimen genotyyppitys maksaa 230€ (Faba Jalostus 2009). Kuitenkin vertaillen sitä keinosiemennyssonniin viiden vuoden ylläpitoon, on genomivalinta halvempi vaihtoehto. Varsinkin sitten, kun odotussonnimäärää pudotetaan entisestään, eikä sonneja kasvateta jälkeläisarvostelua odotellen niin suurta määrää. Hinnan vuoksi ei ihan heti tule mieleen genotyyppittää kaikkia nautaeläimiä vaan valintaa tulee tehdä. Tästä syystä ei välttämättä päästä selville kaikista huippuperiyttäjäeläimistä ja -suvuista. Kaikki lypsykarjatilat eivät edes kuulu FABA:n jalostussuunnitelman piiriin, jolloin sieltäkin saattaa jäädä hyviä eläimiä huomioimatta. Olisi hyvä, jos kaikki tilat kuuluisivat samalla lailla jalostussuunnitteluun, jolloin koko Suomen lypsykarjoista ja nautayksilöistä päästäisiin tietoisuuteen tasavertaisesti.

Genomivalinnan myötä myös uhka geenikannan pienenemisestä ja sukusiitosasteen noususta kasvaa (Faba Jalostus 2009). Jos aina valitaan vain genomisesti parhaita sukuja jatkoon, voidaan pian olla tilanteessa, että keinosiemennyssonneja on vain yhdestä tietyistä suvusta. Jos jokin sonni on huippuhyvä periyttäjä, saattaa se isäsonnina jättää todella paljon hyviä keinosiemennyssonneja käyttöön. Tästä uhkakuvasta voidaan kuitenkin päästä eroon tarkkailemalla koko ajan tiiviisti sukuja ja pitämällä huolta, että erisukuisia sonneja pääsee keinosiemennykseen. Samalta sonnilta tai lehmältä ei voi ottaa määräänsä enempää jälkeläisiä keinosiemennyskäyttöön, vaan tulee valita myös erilaisia sukuja, vaikka niiden genomiset arvot eivät olisikaan parhaimmista.

Toisaalta tämä ongelma on ollut havaittavissa myös perinteiseen jälkeläisarvosteluun perustuvassa sonnivalinnassa. Myös silloin on erikoisia sukuja pidetty suuressa arvossa juuri niiden erilaisten geenikantojen vuoksi, eikä samalta sonnilta tai lehmältä ole otettu kaikkia tarjolla olevia hyviä vasikoita jatsoon (Himananen 2009c). Genomivalinnan tuloksia hyödyntävä paritusohjelma, joka tulee naudoillekin todennäköisesti muutaman vuoden sisällä käyttöön, ei anna mahdollisuutta sukusiitokseen (Faba Jalostus 2009). On karjanomistajien ja jalostusneuvojen tehtävä pitää huoli, ettei sukusiitosta omassa karjassa tapahdu. Näin on toimittu jo jälkeläisarvosteluun perustuvassa jalostusohjelmassa, jossa myös jalostussuunnitelman teko-ohjelma (Jasu) ei anna mahdollisuutta sukusiitokseen.

On myös muistettava, että jos vain sonni on genomiarvosteltu, jälkeläinen ei välttämättä ole suoraan sonnin genomisten jalostusarvojen mukainen. Vasikka saa edelleen puolet geeneistä emältään. Ja kun geenit jakautuvat epätasaisesti, voi jossakin ominaisuudessa olla geenivaikutteita enemmän emältä kuin isältä. Tästä syystä on erittäin hyvä, että lehmiäkin aletaan genotyyppittää. Paritusohjelman hyöty olisi, että niin sonnit kuin lehmätkin olisivat genomisesti arvosteltu.

Minua askarruttaa se, tuleeko genomivalinnassa liian helposti valittua sonneja vain numeroiden perusteella? Perinteisessä jälkeläisarvostelussa oli se hyöty, että sonnin ehti nähdä kokonaisuudessa käytössä jo monta vuotta, ennen kuin valintapäätökset tehtiin. Silloin nähtiin sonnin rakenteen kehitys, kestäminen ja erityisesti sonnin luonne. Luonne kehittyy kuitenkin iän myötä, ja siihen vaikuttaa monet ympäristötekijätkin, kuten sonnin käsittely ja koulutus. Ei sonnin luonnetta voi suoraan geeneistä katsoa, eikä pienen vasikan luonne kerro sitä, minkälainen sonni on vanhempana. Erityisesti sonniaseman työntekijöille on hankalaa ja vaarallista, jos käytössä on luonnevikaisia sonneja. Sonni itsessään ei kuitenkaan koskaan ole vaikuttanut juurikaan sen menestymiseen ja jalostamiseen, vaan suurin painoarvo on aina ollut sonnin periyttämiskyvyillä. Mietityttää myös, mikä se ominaisuus sitten on, joka ratkaisee genomivalinnassa jatsoon päässeet? Ettei vaan jokin ominaisuus vaikuta liikaa, esimerkiksi maitotuotos. Tämä sama ongelma on toki olemassa myös perinteisessä jälkeläisarvostelussa.

FABA:lle tuottaa jatkossa ylimääräistä työtä verinäytteiden lähettäminen Tanskaan. Ja sekin tietenkin maksaa. Karjanomistajille haittapuolena tulee tietenkin se, että sonneja ei enää osteta tiloilta niin paljoa. Myös vasikoiden hintojen porrastus on haitta niille, jotka saavat vähän heikomman genomiarvostelun saaneesta sonnista entistä vähemmän rahaa.

Genomisten jalostusarvojen julkistaminen yleiseen käyttöön tuo paljon hyötyä karjanomistajille. Ongelmana voi kuitenkin esiintyä sonnien liiallinen valikoituminen. Karjanomistajat saattavat haluta liian paljon jotain tiettyä nuorsonnia, jolloin sen siemenannokset eivät riitä. Toisaalta heikompien nuorsonnien siemenannokset saattavat jäädä käyttämättä. Toki tähän ongelmaan ratkaisuna on siemenannoksien hinnoittelu genomiarvojen mukaan, mikä on jo ollut suunnitteilla.

Tulevaisuudessa on myös auki, miten malliyhtälön päivittäminen tulee sujumaan, jos/kun sonneja on jatkossa yhä vähemmän ja vähemmän. Jätkeläisarvosteltuja sonneja tulisi kuitenkin tulla riittävästi, jotta malliyhtälön rakentaminen ja ajan tasalla pitäminen onnistuu. Tämä *riittävä* sonnimäärä ei kuitenkaan vielä ole tarkentunut.

### 9.3 Ayrshire-geenikannan muutos Suomessa

Niin liittyminen VikingGeneticsiin kuin myös genomivalinnan aloitus luo uhkakuvan suomalaisen ayrshiren vähenemisestä. Jos ulkomaiset ayrshiret pääsevät valtaamaan markkinoita Suomen lypsykarjanjalostuksessa, pärjääkö kotimainen ayrshire kovassa kilpailussa? On toki paljon kiinni myös siitä, kuinka suomalaiset lypsykarjatilalliset käyttävät jalostuksessaan suomalaisia sonneja. Jalostusneuvojat tekevät usein jalostussuunnitelman, mutta karjanomistaja voi kyllä sanoa oman mielipiteensä ulkomaisten tuontisonnien käytöstä.

Itseäni arveluttaa pohjoismaisten punaisten rotujen yhteensopivuus yhtenä referenssiryhmänä. Rotujen välillä on kuitenkin paljon geneettisiä eroja. Näiden rotujen risteytyksiä on kuitenkin tehty jo vuosikymmenien ajan, joten niiden



uskotaan pystyvän muodostamaan yhden yhteisen referenssiryhmän (Himanen 2009h). Sen toimivuus selviää, kun ayrshire-rodun ensimmäiset genomiarvostelut saapuvat. Näkee sitten vertailussa, miten suomalainen ayrshire pärjää kilpailussa muita punaisia rotuja vastaan. Toisaalta suomalaiselle ayrshire-geenikannalle voi tehdä ihan hyvää saada hieman uusia hyviä sukuja mukaan muualta maailmasta. Tähän mennessä Suomessa on käytetty kotimaisten ayrshire-sonnien lisäksi lähinnä vain muutamia ruotsalaisia huippusonneja.

Ensimmäiset ayrshire-sonnien genomiset jalostusarvostelutulokset saapuivat lokakuussa. Tuloksiin saattoi olla ihan tyytyväinen. Niiden luotettavuus ei kuitenkaan vielä ole samalla tasolla kuin holstein-sonneilla. Genomisten jalostusarvosteluiden peruusteella voidaan kuitenkin tehdä jo valintaa keinosiemennyssonniin välillä. Tulokset ovat siihen riittävän luotettavat. Arvosteluvarmuus ja luotettavuus paranevat sitä mukaan, kun ayrshire-sonneja genotyyppitetään lisää referenssiryhmään. (Himanen 2009h.)

Ayrshire-rotu kilpailee kotimaassamme holstein-rotua vastaan, kun suurempien lypsykarjojen myötä on myös holstein alkanut lisääntyä maassamme. Holstein-rotua pidetään yleisesti lypsytyyppisempänä lehmänä ja soveltuvampana isoihin pihattoratkaisun navetoihin (erityisesti robottilypsyyn). Hieno ayrshire-rotukantamme on myös tästä syystä alkanut kotimaassamme pienetä.

FABA:n on keinosiemennyssonneja valittaessaan oltava entistäkin tarkempi sonnisukujen suhteen. Suomalaisen ayrshiren kannalta on tärkeää saada keinosiemennykseen suomalaissukuisia sonneja. Erityisesti juuri niitä sonnisukuja, jotka ovat täysin suomalaisia jo pitkän historiansa ajalta.

#### **9.4 Jalostussuunnitelman teko muuttuu**

Jalostussuunnittelu tehostuu genomivalinnan myötä. Jalostussuunnitelman teko muuttuu, kun jalostusneuvojatkin saavat käyttöönsä genomiset arvostelut. Tällöin jo nuorsonneista voi valikoida lehmille sopivat sonnit ja tehdä jalostussuunnitelmaan siemennyssuosituksia. Tässä vaiheessa neuvojen olisi

mielestäni tärkeä huomioida, että käyttävät tasaisesti kaikkia nuorsonneja. Myös niitä "huonoimpia", joilla on hieman heikommat genomiset arvot. Kun lehmillekin ollaan saatu genomisia jalostusarvoja, voi paritusohjelmalla tehdä jatkossa jalostussuunnitelmat. Tällöin neuvojien ei enää tarvitsisi kiertää tiloja tehdessään suunnitelmaa. Toki tiloilla käynti on pakollista aina niin pitkään, kun jälkeläisarvosteluja keinosiemennyssonneille tehdään. Pidän kuitenkin itse huonona, jos tilakäynnit vähenevät, sillä jalostusneuvojilla on kuitenkin hyvin pitkälle kehittynyt karjasilmä. He neuvovat käynneillään muissakin tärkeissä asioissa kuin lehmien jalostamisessa, kuten tarvittaessa vaikka olosuhdeasioissa. Mielestäni myös jalostustyön tuloksia tulee kuitenkin jollain tapaa aina seurata, ettei kehitys lähde väärään suuntaan vaan pysytään tilan tavoitteissa.

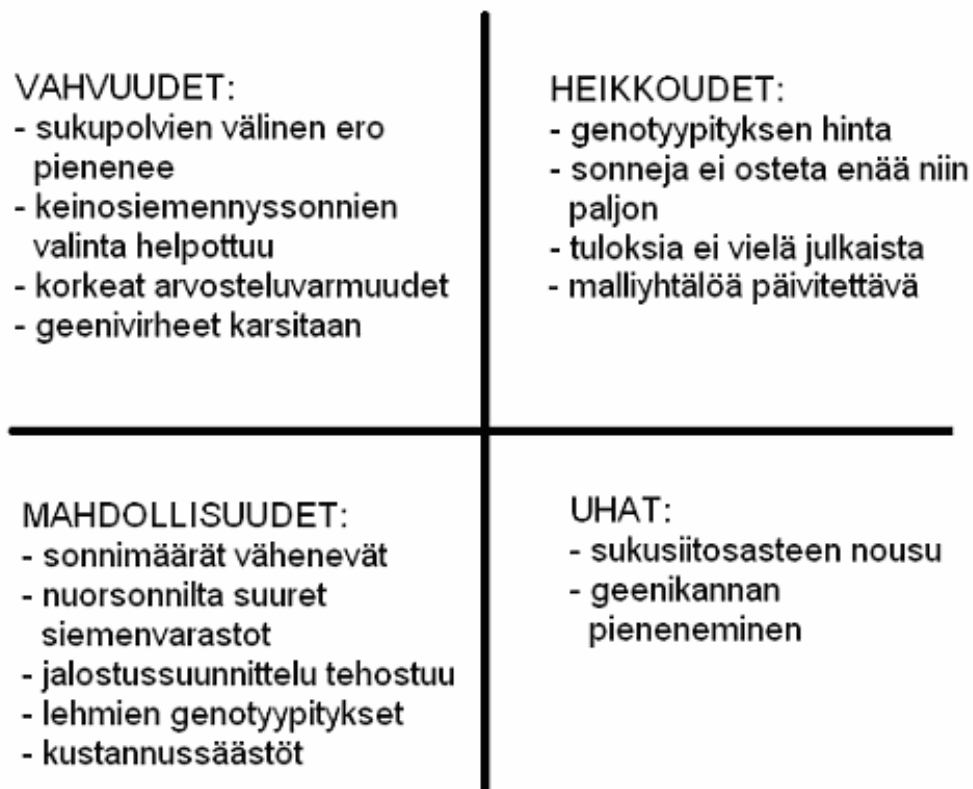
## **9.5 Genomivalinta muilla tuotantohaaroilla**

Mietintään jää myös, voisiko genomista valintaa alkaa käyttää avuksi myös nautakarjan lihantuotannossa, entä sikapuolella? Näillä tuotantohaaroilla ei Suomessa vielä ole tehty genomista valintaa sen arvokkuuden vuoksi. Mutta kenties genotyypityksen hinnan laskiessa, voidaan kehittää omia referenssiryhmiä myös lihantuotantoa ajatellen. Se vaatisi kuitenkin toki myös tuottajahintojen nousua.

## 10 YHTEENVETO

Genominen valinta tulee tosiaan mullistamaan koko keinosiementuotannon ja lypsykarjan jalostuksen. Sen tuomat hyödyt ovat mittavia ja ongelmakohtia voidaan välttää tarkkaavaisuudella (Kuvio 5). FABA:n liittyminen VikingGeneticsiin on suuri osa suomalaista genomivalinnan projektia. Ensi vuoden alusta tullaan tarkemmin näkemään, minkälaiseksi toiminta yhteisessä pohjoismaisessa jalostusorganisaatiossa muovautuu. Muutokset tilatasolla ovat hyvin pieniä, ellei jopa olemattomia. Myös genomisesti arvosteltujen parhaimpien sonnien siemenannoksien hintojen kehitys selviää ensi vuoden kuluessa. Toivottavasti jo ensi vuonna saadaan genomiset jalostusarvot julkisiksi, jolloin niitä voisi hyödyntää myös niin karjanomistajat kuin jalostusneuvojatkin. Silloin saadaan genomisesta valinnasta kaikki hyöty irti.

Kuvio 5. Genomisen valinnan SWOT-analyysi.



## LÄHTEET

- Aro, J., Hilpeä-Lallukka, R., Toivonen, M. & Vahlsten, T. Tauriainen, S. (toim.)  
2007. Mittaa ja valitse: lypsykarjan jalostuksella tuloksiin. Helsinki:  
Edita Prima Oy.
- Borchersen, S. 2008. VikingGenetics ready to use Genomic Selection. Press  
release. 24.6.2008. Saatavana:  
<http://www.vikinggenetics.com/news/genomicselection.pdf>
- Brofeldt, E. 2009. Lypsykarjan genomivalinta tuotekehityksen apuna –  
haavekuva vai realismia. Maito ja me 3, 5.
- Faba Jalostus. 2009. Genomisen informaation hyödyntäminen  
naudanjalostuksessa. Projektisuunnitelma. Vantaa. Julkaisematon.
- Faba Jalostuksen ja naudanjalostuksen historiaa pähkinäkuoressa. Ei päiväystä.  
[www-dokumentti]. Faba Jalostus. [Viitattu 28.9.2009]. Saatavana:  
<http://www.faba.fi/yritys/historia.asp>
- Himanen, A. 2009a. Suomalaissonnit mukaan genomeen arvosteluun. Nauta  
3, 19.
- Himanen, A. 2009b. Genomisen valinnan tilanne Suomessa 23.6.2009.  
Kokousmateriaali. 23.6.2009. FABA. Pieksämäki. Julkaisematon.
- Himanen, A. 2009c. Osastopäällikkö, naudanjalostus. Faba palvelu. Haastattelu.  
6.8.2009.

- Himanen, A. 2009d. Genomisen valinnan tilanne Suomessa 18.8.2009.  
Kokousmateriaali. 18.8.2009. FABA. Pieksämäki. Julkaisematon.
- Himanen, A. 2009e <[xxx.xxx@xxx.fi](mailto:xxx.xxx@xxx.fi)> 2.10.2009. Genomivalinnan päättötyö.  
[Henkilökohtainen sähköpostiviesti]. Vastaanottaja: Essi Nikula.  
[Viitattu 2.10.2009].
- Himanen, A. 2009f. Genomivalintaa käytännössä. Nauta 4, 13.
- Himanen, A. 2009g <[xxx.xxx@xxx.fi](mailto:xxx.xxx@xxx.fi)> 22.10.2009. Genomivalinnasta koskien  
päättötyötäni. [Henkilökohtainen sähköpostiviesti]. Vastaanottaja: Essi  
Nikula. [Viitattu 22.10.2009].
- Himanen, A. 2009h <[xxx.xxx@xxx.fi](mailto:xxx.xxx@xxx.fi)> 17.11.2009. Vielä lisää kysymyksiä  
päättötyöstä. [Henkilökohtainen sähköpostiviesti]. Vastaanottaja: Essi  
Nikula. [Viitattu 24.11.2009].
- Lintukangas, S. 2009a. FABA neuvottelee liittymisestä VikingGeneticsiin. Pistoletti  
1, 4-5.
- Lintukangas, S. 2009b. Suomi mukaan VikingGeneticsiin. Pistoletti 2, 8.
- Lintukangas, S. 2009c. VikingGenetics – suomalaisen karjanomistajan etu.  
Pistoletti 2, 9.
- Mäkinen, K. 2006. 60 vuotta huipulla. Saarijärvi: Saarijärven Offset Oy.
- Mäntysaari, E. 2008. Genominen valintaohjelma ja jalostusarvostelu lypsykarjalla.  
Luentomateriaali. 4.12.2008. Julkaisematon.
- Mäntysaari, E. 2009. Genominen valinta on pohjoismaisen jalostuksen uusi valtti.  
Pistoletti 2, 12–13.
- Mäntysaari, E & Juga, J. 2009. Sukupolviväli lyhyemmäksi. Nauta 2, 15–17.

Mäntysaari, E & Strandén, I. 2009a. Genomiikka saapuu navettaan. Nauta 1, 26–27.

Mäntysaari, E & Strandén, I. 2009b. Genomiset jalostusarvot ovat jo käytössä. Nauta 1, 27.

Pirinen, S. 2009. Jalostusneuvoja. FABA. Haastattelu. 24.8.2009.

Tuovinen, P. 2008. DNA kertoo jalostusarvon. Maito ja me. 6, 33.